

/913644

10 20 30 40 50 60
ATGGCTTTGTGGCGGCCTAGTGACAATACCGTATACCTTCCACCTCCTTCTGTGGCAAGA
1 M A L W R P S D N T V Y L P P P S V A R 20
70 80 90 100 110 120
GTTGTAAATACTGATGATTATGTGACTCGCACAAAGCATATTTTATCATGCTGGCAGCTCT
21 V V N T D D Y V T R T S I F Y H A G S S 40
130 140 150 160 170 180
AGATTATTA ACTGTTGGTAATCCATATTTTAGGGTTCCTGCAGGTGGTGGCAATAAGCAG
41 R L L T V G N P Y F R V P A G G G N K Q 60
190 200 210 220 230 240
GATATTCCTAAGGTTTCTGCATACCAATATAGAGTATTTTCGGGTGCAGTTACCTGACCCA
61 D I P K V S A Y Q Y R V F R V Q L P D P 80
250 260 270 280 290 300
AATAAATTTGGTTTACCTGATAATAGTATTTATAATCCTGAAACACAACGTTTAGTGTGG
81 N K F G L P D N S I Y N P E T Q R L V W 100
310 320 330 340 350 360
GCCTGTGCTGGAGTGGAAATTGGCCGTGGTCAGCCTTTAGGTGTTGGCCTTAGTGGGCAT
101 A C A G V E I G R G Q P L G V G L S G H 120
370 380 390 400 410 420
CCATTTTATAATAAATTAGATGACACTGAAAGTTCCCATGCCGCTACGTCTAATGTTTCT
121 P F Y N K L D D T E S S H A A T S N V S 140
430 440 450 460 470 480
GAGGACGTTAGGGACAATGTGTCTGTAGATTATAAGCAGACACAGTTATGTATTTTGGGC
141 E D V R D N V S V D Y K Q T Q L C I L G 160
490 500 510 520 530 540
TGTGCCCCTGCTATTGGGGAACACTGGGCTAAAGGCACTGCTTGTAATCGCGTCCTTTA
161 C A P A I G E H W A K G T A C K S R P L 180
550 560 570 580 590 600
TCACAGGGCGATTGCCCCCTTTAGAACTTAAGAACACAGTTTTGGAAGATGGTGATATG
181 S Q G D C P P L E L K N T V L E D G D M 200
610 620 630 640 650 660
GTAGATACTGGATATGGTGCCATGGACTTTAGTACATTGCAAGATACTAAATGTGAGGTA
201 V D T G Y G A M D F S T L Q D T K C E V 220
670 680 690 700 710 720
CCATTGGATATTTGTCAGTCTATTTGTAAATATCCTGATTATTTACAAATGTCTGCAGAT
221 P L D I C Q S I C K Y P D Y L Q M S A D 240
730 740 750 760 770 780
CCTTATGGGGATTCCATGTTTTTTTGCTTACGACGTGAGCAGCTTTTTTGCTAGGCATTTT
241 P Y G D S M F F C L R R E Q L F A R H F 260
790 800 810 820 830 840
TGGAATAGGGCAGGTACTATGGGTGACACTGTGCCTCAATCCTTATATATTAAGGCACA
261 W N R A G T M G D T V P Q S L Y I K G T 280

FIG. 1A

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

2/7

850 860 870 880 890 900
GGTATGCGTGCTTCACCTGGCAGCTGTGTGTATTCTCCCTCTCCAAGTGGCTCTATTGTT
281 G M R A S P G S C V Y S P S P S G S I V 300
910 920 930 940 950 960
ACCTCTGACTCCCAGTTGTTTAATAAACCATATTGGTTACATAAGGCACAGGGTCATAAC
301 T S D S Q L F N K P Y W L H K A Q G H N 320
970 980 990 1000 1010 1020
AATGGTATCTGCTGGCATAATCAATTATTTGTTACTGTGGTAGATACCACTCGTAGTACC
321 N G I C W H N Q L F V T V V D T T R S T 340
1030 1040 1050 1060 1070 1080
AATTTAACAATATGTGCTTCTACACAGTCTCCTGTACCTGGGCAATATGATGCTACCAAA
341 N L T I C A S T Q S P V P G Q Y D A T K 360
1090 1100 1110 1120 1130 1140
TTTAAGCAGTATAGCAGACATGTTGAAGAATATGATTTGCAGTTTATTTTTCAGTTATGT
361 F K Q Y S R H V E E Y D L Q F I F Q L C 380
1150 1160 1170 1180 1190 1200
ACTATTACTTTAACTGCAGATGTTATGTCCTATATTCATAGTATGAATAGCAGTATTTTA
381 T I T L T A D V M S Y I H S M N S S I L 400
1210 1220 1230 1240 1250 1260
GAGGATTGGAACCTTTGGTGTTCCTCCCCCGCCAACTACTAGTTTGGTGGATACATATCGT
401 E D W N F G V P P P P T T S L V D T Y R 420
1270 1280 1290 1300 1310 1320
TTTGTACAATCTGTTGCTATTACCTGTCAAAGGATGCTGCACCAGCTGAAAATAAGGAT
421 F V Q S V A I T C Q K D A A P A E N K D 440
1330 1340 1350 1360 1370 1380
CCCTATGATAAGTTAAAGTTTTGGAATGTGGATTTAAAGGAAAAGTTTTCTTTGGACTTA
441 P Y D K L K F W N V D L K E K F S L D L 460
1390 1400 1410 1420 1430 1440
GATCAATATCCCCTTGGACGTAAATTTTTGGTTTCAGGCTGGATTGCGTCGCAAGCCCACC
461 D Q Y P L G R K F L V Q A G L R R K P T 480
1450 1460 1470 1480 1490 1500
ATAGGCCCTCGTAAACGTTCTGCTCCATCTGCCACTACGTCTTCTAAACCTGCCAAGCGT
481 I G P R K R S A P S A T T S S K P A K R 500
1510 1520
GTGCGTGTACGTGCCAGGAAGTAA
501 V R V R A R K * 508

FIG. 1B

3/7

AMINO ACID VARIATIONS IN L1 PROTEIN OF HPV18					
	AMINO ACID POSITION IN L1				
	<u>30</u>	<u>88</u>	<u>283</u>	<u>323</u>	<u>338</u>
HPV18 PUBLISHED	P	T	P	V	P
HPV18 MERCK	R	N	R	I	R
#354 (CLINICAL INDIANA)	R	N	R	V	R
#556	R	N	R	V	R
#755	-	-	R	V	R
#697	-	-	R	V	R
#795	-	-	R	V	R
#23 (CLINICAL PENNSYLVANIA)	-	-	R	I	R

FIG.2

10 20 30 40 50 60
ATGGTATCCCACCGTGCCGCACGACGCAAACGGGCTTCGGTGACTGACTTATATAAAACA
1 M V S H R A A R R K R A S V T D L Y K T 20
70 80 90 100 110 120
TGTAACAATCTGGTACATGTCCATCTGATGTTGTTAATAAGGTAGAGGGCACCACGTTA
21 C K Q S G T C P S D V V N K V E G T T L 40
130 140 150 160 170 180
GCAGATAAAATATTGCAATGGTCAAGCCTTGGTATATTTTTGGGTGGACTTGGCATAGGT
41 A D K I L Q W S S L G I F L G G L G I G 60
190 200 210 220 230 240
ACTGGAAGTGGTACAGGGGGTCGTACAGGTACATTCCATTGGGTGGGCGTTCCAATACA
61 T G S G T G G R T G Y I P L G G R S N T 80
250 260 270 280 290 300
GTTGTGGATGTCCGTCCTACACGTCCTCCAGTGGTTATTGAACCTGTGGGCCCCACAGAC
81 V V D V G P T R P P V V I E P V G P T D 100
310 320 330 340 350 360
CCATCTATTGTTACATTAATAGAGGACTCAAGTGTGTTACATCAGGTGCACCTAGGCCT
101 P S I V T L I E D S S V V T S G A P R P 120
370 380 390 400 410 420
ACTTTTACTGGCACGTCTGGGTTTGATATAACATCTGCTGGTACAACCTACACCTGCAGTT
121 T F T G T S G F D I T S A G T T T P A V 140
430 440 450 460 470 480
TTGGATATCACACCTTCGTCTACCTCTGTTTCTATTTCCACAACCAATTTTACCAATCCT
141 L D I T P S S T S V S I S T T N F T N P 160
490 500 510 520 530 540
GCATTTTCTGATCCGTCCATTATTGAAGTTCCACAACTGGGGAGGTGTCAGGTAATGTA
161 A F S D P S I I E V P Q T G E V S G N V 180
550 560 570 580 590 600
TTTGTGGTACCCCTACATCTGGAACACATGGGTATGAAGAAATACCTTTACAAACATTT
181 F V G T P T S G T H G Y E E I P L Q T F 200
610 620 630 640 650 660
GCTTCTTCTGGTACGGGGGAGGAACCCATTAGTAGTACCCCATTCCTACTGTGCGGCGT
201 A S S G T G E E P I S S T P L P T V R R 220
670 680 690 700 710 720
GTAGCAGGTCCCCGCCTTTACAGTAGGGCCTACCAACAAGTGTCTGTGGCTAACCCCTGAG
221 V A G P R L Y S R A Y Q Q V S V A N P E 240
730 740 750 760 770 780
TTTCTTACACGTCCATCCTCTTTAATTACCTATGACAACCCGGCCTTTGAGCCTGTGGAC
241 F L T R P S S L I T Y D N P A F E P V D 260
790 800 810 820 830 840
ACTACATTAACATTTGAGCCTCGTAGTAATGTTCTGATTGAGATTTTATGGATATTATC
261 T T L T F E P R S N V P D S D F M D I I 280

FIG. 3A

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

CGTTTACATAGGCCTGCTTTAACATCCAGGCGTGGTACTGTGCGCTTTAGTAGATTAGGT
281 R L H R P A L T S R R G T V R F S R L 300
910 920 930 940 950 960
CAAAGGGCAACTATGTTTACCCGTAGCGGTACACAAATAGGTGCTAGGGTTCACCTTTTAT
301 Q R A T M F T R S G T Q I G A R V H F Y 320
970 980 990 1000 1010 1020
CATGATATAAGTCCTATTGCACCCTCCCCAGAATATATTGAACTGCAGCCTTTAGTATCT
321 H D I S P I A P S P E Y I E L Q P L V S 340
1030 1040 1050 1060 1070 1080
GCCACGGAGGACAATGGCTTGTTTGATATATATGCAGATGACATAGACCCTGCAATGCCT
341 A T E D N G L F D I Y A D D I D P A M P 360
1090 1100 1110 1020 1030 1040
GTACCATCGCGTCCTACTACCTCCTCTGCAGTTTCTACATATTCGCCCACTATATCATCT
361 V P S R P T T S S A V S T Y S P T I S S 380
1150 1160 1170 1180 1190 1200
GCCTCTTCCTATAGTAATGTAACGGTCCCTTTAACCTCCTCTTGGGATGTGCCTGTATAC
381 A S S Y S N V T V P L T S S W D V P V Y 400
1210 1220 1230 1240 1250 1260
ACGGGTCTGATATTACATTACCACCTACTACCTCTGTATGGCCATTGTATCACCCACA
401 T G P D I T L P P T T S V W P I V S P T 420
1270 1280 1290 1300 1310 1320
GCCCCTGCCTCTACACAGTATATTGGTATACATGGTACACATTATTATTTGTGGCCATTA
421 A P A S T Q Y I G I H G T H Y Y L W P L 440
1330 1340 1350 1360 1370 1380
TATTATTTTATTCCTAAAAAGCGTAAACGTGTTCCCTATTTTTTTGCAGATGGCTTTGTG
441 Y Y F I P K K R K R V P Y F F A D G F V 460
GCGGCCTAG
461 A A * 463

FIG. 3B

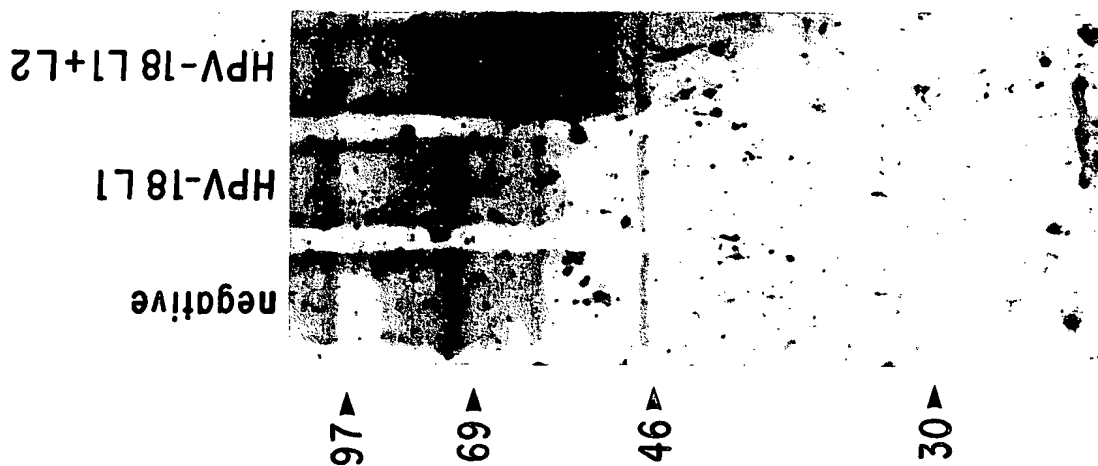


FIG.5

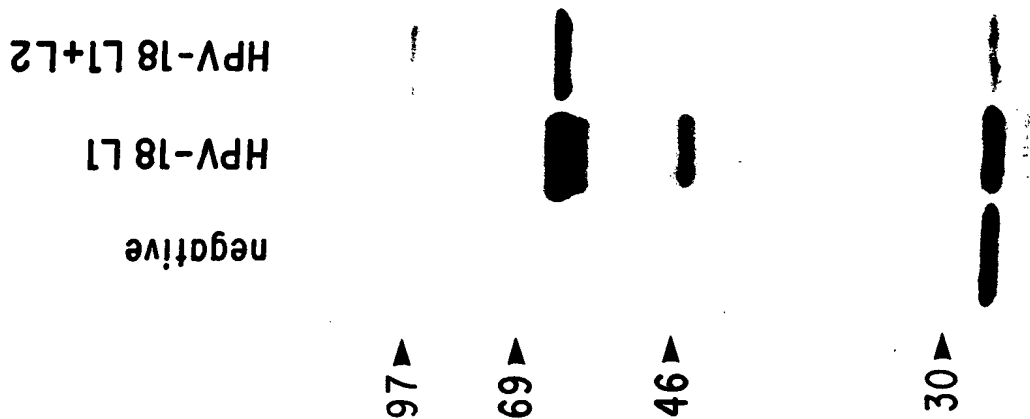


FIG.4



FIG.6